



ISMJ 2014; 17(3): 326-335

دوماهنامه طب جنوب

پژوهشکده زیست-پزشکی خلیج فارس

دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی بوشهر

سال هفدهم، شماره ۳، صفحه ۳۳۵ - ۳۲۶ (مرداد و شهریور ۱۳۹۳)

مقایسه روش‌های مولکولی در تیپ‌بندی اپیدمیولوژیک سویه‌های مقاوم به متی‌سیلین استافیلوکوکوس اورئوس

احسان‌اله غزنوی‌راد^{۱*}، علی‌رضا آموزنده نوباوه^۱

^۱ گروه میکروپزشناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اراک، اراک، ایران

(دریافت مقاله: ۹۱/۳/۱۰ - پذیرش مقاله: ۹۱/۵/۴)

چکیده

زمینه: در این تحقیق روش‌های مولکولی موجود جهت تیپ‌بندی اپیدمیولوژیک استاف اورئوس مقاوم به متی‌سیلین مانند روش الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE)، تیپ‌بندی بر مبنای توالی‌یابی لوکوس‌های چندگانه (MLST)، تیپ‌بندی بر مبنای توالی‌یابی ژنی پروتئین A (Staphylococcus aureus protein A typing (Spa) A، تیپ‌بندی به روش واحد تکراری مستقیم Direct repeat unit typing (dru) و بررسی تنوع در کاست کروموزومی Staphylococcal Cassette Chromosome (SCCmec) از نظر قدرت تمایز مقایسه شده‌اند.

مواد و روش‌ها: از ۳۸۹ ایزوله که قبلاً بررسی اپیدمیولوژیک مولکولی بر روی آن‌ها انجام شده بود ۶۱ نمونه غیر تکراری انتخاب و تحت تیپ‌بندی با الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار و تیپ‌بندی به روش واحد تکراری مستقیم قرار گرفتند. شاخص تمایز سیمپسون جهت تعیین قدرت تمایز هر روش و ضریب اتورگرسیون جهت تعیین قدرت تیپ‌بندی محاسبه گردید.

یافته‌ها: ۶۱ سوش مورد مطالعه به ترتیب با روش PFGE، MLST، spa، SCCmec و dru به ۷، ۶، ۶، ۱۲ و ۱۹ تیپ تقسیم شدند. ارزیابی قدرت تمایز برای هر روش طبقه‌بندی با شاخص تنوع سیمپسون روش‌های dru و PFGE را به عنوان بیشترین قدرت تمایز تعریف کرد.

نتیجه‌گیری: با این مطالعه می‌توان این گونه نتیجه‌گیری کرد که اگرچه تیپ‌بندی با روش dru روشی با قدرت تمایز بالا، ارزان و آسان جهت بررسی اپیدمیولوژیک سویه‌های استاف اورئوس مقاوم به متی‌سیلین از تیپ ST۲۳۹ می‌باشد ولی استفاده از ترکیب این روش‌ها مثل (dru و PFGE) می‌تواند نتایج بهتری را جهت ارزیابی عفونت‌های بیمارستانی ارائه دهد.

واژگان کلیدی: استافیلوکوکوس اورئوس، مقاومت به متی‌سیلین، الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار، مقایسه روش‌های مختلف تیپ‌بندی مولکولی

* اراک، گروه میکروپزشناسی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اراک

مقدمه

استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین^۱ (MRSA) قادر به تولید طیف وسیعی از عفونت‌ها است که شدت این عفونت‌ها از عفونت پوستی ضعیف تا پنومونی نکرزکننده متغیر است. این باکتری خطرناک به‌علت بروز مداوم و فزاینده عفونت در محیط بیمارستان (HA-MRSA)^۲ و ایجاد عفونت‌های کسب شده مهم از جامعه (CA-MRSA)^۳ کانون توجه شدید می‌باشد و شیوع بالای آن در اکثر مناطق جهان سبب افزایش معنی‌داری در مرگ و میر و هزینه‌های مربوط به درمان بیماران شده است (۱).

هر چند تلاش‌ها جهت کنترل و جلوگیری از انتشار این پاتوژن از طریق غربالگری بیماران، پرسنل و محیط بیمارستان یک اولویت عمده در برنامه‌های کنترل عفونت است، تکیه بر روش‌های طبقه‌بندی، به‌عنوان ابزارهای مهمی جهت توصیف صفات اختصاصی ژنتیکی ایزوله‌ها می‌تواند کمک بسیار مهمی جهت بررسی‌های اپیدمیولوژیک به‌منظور ردیابی منبع و یافتن راه‌های انتقال MRSA باشد (۴-۲).

الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE)^۴، که یک روش ژنوتیپیک برای ارزیابی پلی‌مورفیسم DNA کروموزومی است، روش استاندارد طلایی جهت تجزیه و تحلیل اپیدمیولوژیک پاتوژن‌های مشکل‌ساز بیمارستان، شامل استافیلوکوکوس اورئوس و MRSA می‌باشد (۷ و ۸). همچنین بررسی تنوع در کاست کروموزومی ژن mec که عامل مقاومت به متی‌سیلین (SCCmec)^۵ است نیز از روش‌های مبتنی بر باند الکتروفورزی است که قادر به تمایز سویه‌های کسب

شده از بیمارستان (HA-MRSA) و سویه‌های کسب شده از جامعه (CA-MRSA) می‌باشد (۹). البته امروزه روش‌های جدیدتر مبتنی بر سکانس اسیدهای نوکلئیک نیز در دسترس می‌باشد که از این تکنیک‌ها برای بررسی اپیدمیولوژیک و همچنین مقایسه سویه‌های یک ناحیه جغرافیایی خاص با سویه‌های سایر نقاط جهان استفاده می‌شود (۱۰). تیپ‌بندی بر پایه‌ی توالی اسیدهای نوکلئیک (DNA) به‌علت پیشرفت در روش‌های توالی‌یابی، سهولت انتقال اطلاعات و قابلیت قیاس بسیار خوب نتایج از طریق پایگاه داده‌های online در حال ترویج و فزونی هستند. از جمله این روش‌ها می‌توان به تیپ‌بندی بر مبنای توالی‌یابی لوکوس‌های چندگانه (MLST)^۶ و توالی‌یابی ژنی پروتئین A استافیلوکوکی (Spa)^۷ می‌باشند اشاره نمود (۱۱ و ۱۲).

اخیراً نیز درون ناحیه‌ی کاست کروموزومی ژن mec که عامل مقاومت به متی‌سیلین (SCCmec)^۸ است نیز یک تکرار ۴۰ جفت بازی پشت سر هم با بازهای متغیر یا واحد تکراری مستقیم (dru)^۹ که در مجاورت ناحیه ژن IS۴۳۱ قرار گرفته شناسایی شده که به‌علت توانایی بالای آن در تمایز دادن کلون‌های EMRSA-۱۵ و EMRSA-۱۶ و EMRSA-۱۶، دو ایزوله‌ای که با سایر روش‌ها قابل تمایز نیستند، مورد توجه قرار گرفته است (۱۳ و ۱۴).

از بین روش‌های نام برده شده بالا اگر چه MLST یک روش کافی برای تشخیص ارتباطات نزدیک آشکار بین سوش‌های استافیلوکوکوس اورئوس است اما برای مطالعه‌ی تفاوت‌های ظریف بین سوش‌ها، شایستگی کمتری دارد. طبقه‌بندی Spa این چنین

^۶ Multi Locus Sequence Typing^۷ Staphylococcus protein A typing^۸ Staphylococcal Cassette Chromosome mec^۹ direct repeat unit^۱ Methicillin Resistant Staphylococcus aureus^۲ Hospital Acquired^۳ Community Acquired^۴ Pulsed Field Gel Electrophoresis^۵ Staphylococcal Cassette Chromosome mec

مواد و روش‌ها

۶۱ ایزوله از ۳۸۹ ایزوله‌ی MRSA که از اکتبر ۲۰۰۷ تا نوامبر ۲۰۰۸ پس از اخذ مجوز از کمیته اخلاق دانشکده پزشکی دانشگاه پوترا از بیمارستان مرکزی آموزشی شهر کوآلالمپور در مالزی جمع‌آوری شده بودند و قبلاً با تیپ‌بندی MLST، SCCmec و spa مطالعه شده بودند انتخاب و وارد این مطالعه شدند. مشخصات سوش‌های جدا شده از نمونه‌های کلینیکی قبلاً توضیح داده شده است (۱۷ و ۱۸). ایزوله‌ها طوری انتخاب شدند که تکراری نبوده، متنوع بوده و نشان‌دهنده‌ی تمام انواع MLST و spa شناسایی شده در مطالعه باشند.

در مطالعه‌ی حاضر، ۶۱ ایزوله فوق، پس از هضم توسط آنزیم SmaI در معرض الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE) قرار گرفته و همچنین مطابق روش توصیف شده توسط گورینگ (Goering) و همکاران (۱۴) مورد آنالیز توالی ناحیه‌ی dru مرتبط با mec قرار گرفتند (<http://www.dru-typing.org>) که در شکل یک قابل مشاهده هستند.

جهت محاسبه شاخص تنوع سیمپسون (SID) از ارزیابی کمی آنلاین انجام شده توسط ابزار قراردادی طبقه‌بندی استفاده گردید و این شاخص با ضریب اطمینان (CI) تقریبی ۹۵ درصد محاسبه شد (<http://www.darwin.phyloviz.net>). به‌علاوه توانایی طبقه‌بندی ایزوله‌ها با روش‌های مختلف همراه با ضریب اتورگرسیون (Auto regression (AR)، که معمولاً جهت سنجش هم‌خوانی روش‌های طبقه‌بندی استفاده می‌شود، محاسبه گردید.

تفاوت‌های ژنومیکی کوچک را بهتر آشکار می‌کند اما ممکن است قابلیت اجرای آن به‌علت رویدادهای نوترکیبی ژنومیکی کاهش یابد. به‌عنوان مثال هیچ یک از دو طبقه‌بندی MLST و Spa قادر نیستند که بین سوش‌های MRSA برزیلی و مجارستانی تفاوت قائل شوند (۱۵).

امروزه قدرت تفکیک به‌دست آمده توسط روش‌های تیپ‌بندی MLST، SCCmec، spa، PFGE و dru، به‌وسیله‌ی شاخص تنوع سیمپسون (SID)^{۱۰} محاسبه می‌گردد. قدرت تفکیک به‌صورت ریاضی با احتمال اینکه دو سوش تصادفی انتخاب شده از میان جمعیت از نظر روش تیپ‌بندی متفاوت باشند تعریف شده است. میزان شاخص از صفر تا یک می‌باشد که مقدار نزدیک به صفر، نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی کم و مقدار نزدیک به یک، نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالاست (۸). گرچه سطح قابل قبول تفکیک به تعدادی از فاکتورها بستگی خواهد داشت، اما یک شاخص بزرگ‌تر از ۰/۹ مطلوب می‌باشد (۱۶).

علاوه‌بر این قدرت تیپ‌بندی روش‌های فوق نیز با محاسبه ضریب اتورگرسیون تعیین گردید (۷).

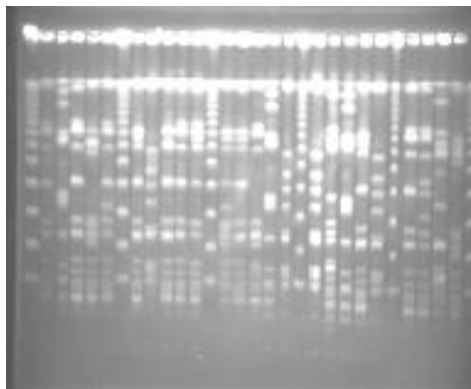
بنابراین، هدف از مطالعه‌ی حاضر مقایسه روش‌های مولکولی موجود مانند تیپ‌بندی بر مبنای کاست کروموزومی ژن mec (SCCmec)، الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE)، توالی‌یابی ژنی پروتئین A استافیلوکوکی (Spa)، تیپ‌بندی بر مبنای توالی لوکوس‌های چندگانه (MLST) و طبقه‌بندی بر اساس dru از نظر قدرت تمایز و تفکیک سویه‌ها می‌باشد.

¹⁰ Simpson index of diversity

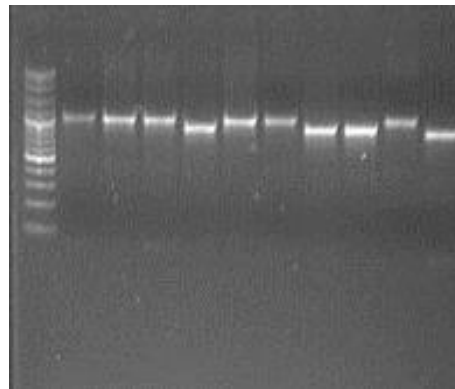
یافته‌ها

گرچه به‌وسیله‌ی روش‌های فوق همه ایزوله‌ها به‌خوبی دسته‌بندی شده‌اند، اما هدف مطالعه حاضر تعیین این موضوع بود که کدامیک از دسته‌بندی‌ها همراه با الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE) به‌عنوان استاندارد طلایی، به تفکیک بیشتر سویه‌ها کمک

خواهد کرد. ۶۱ سوش مورد مطالعه به‌ترتیب با روش PFGE، MLST، spa، SCCmec و dru به ۶، ۷، ۶، ۱۲ و ۱۹ تیپ تقسیم شدند. همان‌طور که در شکل یک نشان داده شده است، PFGE، dru، MLST، Spa و SCCmec دارای تمایز یکسانی در طبقه‌بندی ایزوله‌های ST۱۸۸ و ST۱ و هستند.



(ب)



(الف)

شکل ۱) الف) الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE)، ب) ژت‌پبندی با روش dru

dt13j طبقه‌بندی dru شد. با روش الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE)، شباهت بین سویه‌هایی که در کلون CCA قرار داشتند (ST۲۳۹ و ST۱۲۸۳) از ۶۵ الی ۱۰۰ درصد متغیر بود. در مقابل طبقه‌بندی dru یک تمایز واضح‌تری را بین ایزوله‌های SCCmec IIIa و III نشان داد.

ایزوله‌های SCCmec IIIa، نه تایپ dru را نشان دادند که شامل (dt۱۳e، dt۱۱aa، dt۱۳g، dt۱۳h، dt۱۳d، dt۱۳j، dt۱۵e، dt۹w و dt۱a) می‌باشند، در حالی که برای SCCmec III هفت تایپ مشاهده شد (dt۱۲h، dt۱۲c، dt۱۲g، dt۱۲d، dt۱۴b، dt۱۴d و dt۱۳i). در بین این ۱۶ تایپ فقط dt۱۳d در هر دو ایزوله‌های SCCmec IIIa و III یافت شد. نکته جالب توجه اینکه سویه‌های غالب ST۲۳۹ - t۰۳۷، ۱۰ تایپ متفاوت از dru را نشان دادند (dt۱۵e،

ایزوله‌های ST۲۲ دو نوع dru (dt۱۰a و dt۱۰m) و سه نوع spa (۱۰۳۲، ۱۳۲۱۳ و ۱۴۱۸۴) نشان دادند (شکل ۲). ایزوله‌های STv با کلیه روش‌ها به‌عنوان یک رده‌ی تک کلونی رفتار می‌کنند. به هر حال کمتر از ۷۰ درصد شباهت الگو با PFGE، برای این ایزوله‌ها مشاهده شد. در بین ۳۳ ایزوله‌ی متعلق به CCA (8 Clonal Complex)، ۳۲ سوش آن‌ها ST۲۳۹ بودند که ۲۳ و ۹ سوش از آن‌ها به‌ترتیب کاست کروموزومی (SCCmec) نوع IIIa و III را حمل می‌کردند. یک سویه باقیمانده نیز (CC۸) ST۱۲۸۳ بود که SCCmec IIIa را نشان داد. تایپ‌های t۰۳۷Spa؛ t۱۳۸، t۴۲۱ مرتبط بود در حالی که SCCmec III با تایپ‌های Spa t۴۲۱۳، t۴۲۵۰، t۲۵۷۵ و t۰۳۷ همراه بود. به‌علاوه یک ایزوله (ایزوله ۵۵۴) که قابل طبقه‌بندی با Spa نبود، تحت عنوان

روش‌های مبتنی بر PCR، یک ناحیه به خصوص از کروموزوم را در محل تعیین شده تشخیص می‌دهند. بنابراین تغییرات ژنتیکی کوچکی که این محدوده را تحت تأثیر قرار می‌دهد را تشخیص می‌دهند. اما اگر تغییر خارج از محدوده‌ی تقویت شده رخ دهد، تشخیص داده نخواهد شد (۲۰).

استفاده از شاخص تنوع سیمپسون (SID) به‌عنوان یک مقیاس جهت تمایز روش‌های طبقه‌بندی مختلف، طبقه‌بندی dru و PFGE را به‌عنوان روش‌هایی با بیشترین تمایز تعیین نمود. این نتیجه با نتیجه‌ی کوکسون (Cooksen) و همکاران مطابقت دارد بدین‌صورت که وقتی PFGE (تمایز ۹۹/۵ درصد) با طبقه‌بندی‌های Spa، MLST و SCCmec که همگی سطح پایین‌تری از تمایز را بین ۸۸/۷ تا ۹۱/۳ درصد را ارائه دادند، مقایسه شد، بیشترین قدرت تمایز را از خود نشان داد (۲۱). این نتایج فایده‌ی طبقه‌بندی dru را برای آنالیز اپیدمیولوژیکی، خصوصاً برای رده‌های رایج MRSA حمایت می‌کند. همچنین بر مبنای نتایج این تحقیق در حالی که سوش‌های ST۲۲، ۳ خوشه PFGE را نتیجه می‌دهد که در هر خوشه شباهت تایپ‌های dru وجود دارد، در دو نمونه با ۲ تایپ Spa مختلف، dru مشابهی یافت گردید. این بیانگر ثبات و محافظه کاری ناحیه‌ی dru می‌باشد که با روش تیپ‌بندی PFGE نیز مطابقت دارد و احتمالاً به دلیل موارد نادر نوترکیبی در ژن spa از استافیلوکوکوس اورئوس نیز می‌تواند باشد (۱۶).

ایزوله‌های ST۷، ST۱۸۸ و ST۱ در تایپ‌های Spa، dru و PFGE مشابهی تقسیم شدند، به‌جز ST۷ که ۴ تایپ PFGE را نشان داد که ممکن است از نظر اپیدمیولوژی در تحقیقات آینده مفید باشد.

dt۱۳d، dt۱۳e، dt۱۳g، dt۱۳i، dt۱۴b، dt۱۴d، dt۱۲h، dt۱۱a، dt۹w که در ۸ خوشه الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار (PFGE) قرار گرفت (D، F، G، H، I، J، K، L).

جهت بررسی قدرت تفکیک روش‌های مختلف نیز مقادیر SID محاسبه گردید که مقادیر به‌دست آمده برای مجموعه داده‌های ما در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱) توانایی تمایز روش‌های تیپ‌بندی برای مجموعه داده‌های آنالیز شده (کل مجموعه، n=۶۱)

95% Confidence Interval	SID	Typeability	No. of types	Typing technique
(۸۵/۸۱-۹۲/۶۶)	۸۹/۲۳	۱۰۰	۱۵	PFGE
(۷۲/۳۲-۸۷/۹۰)	۸۰/۱۱	۹۶/۷	۱۳	spa
(۸۵/۴۴-۹۳/۵۸)	۸۹/۵۱	۱۰۰	۱۹	dru
(۵۹/۲۵-۷۹/۶۶)	۶۹/۴۰	۱۰۰	۶	MLST
(۶۴/۸۵-۷۴/۴۶)	۷۰/۶۶	۱۰۰	۴	SCCmec

برای به‌دست آوردن توافق و هماهنگی کلی بین روش‌های دسته‌بندی، مقدار ضرایب اتورگرسیون AR در تمام روش‌ها در جدول ۲ نشان داده شده است (۱۹).

جدول ۲) مقادیر اتورگرسیون برای مجموعه داده‌های آنالیز شده (کل مجموعه n=۶۱)

SCCmec	Spa	ST	Dru	
			۰/۳۴۲	ST
		۰/۶۵۳	۰/۳۷۹	spa
	۰/۴۲۵	۰/۵۰۵	۰/۲۶۳	SCCmec
۰/۱۲۸	۰/۰۹۰	۰/۱۴۱	۰/۱۴۰	PFGE

بحث

هنگام مقایسه‌ی روش‌های ملکولی مختلف، مهم است که بدانیم و در نظر داشته باشیم که هر روش دقیقاً چه منطقه‌ای از ژنوم را ارزیابی می‌کند. آنالیز PFGE به کل کروموزوم بر اساس مجموع سایز قطعات محدود شده نگاه می‌کند و از این رو تغییرات ژنتیکی ناچیز ممکن است تشخیص داده نشوند. در مقابل،

شکل ۲) تیپ‌بندی مولکولی سویه‌های استافیلوکوکوس اورئوس مقاوم به متی‌سیلین

SCCmec	Dru	SPA	MLST	PFGE	NO
Ivh	dt10a	t3213	ST22	A	۱
IVh	dt10a	T032	ST22	A	۲
IVh	dt10a	T032	ST22	A	۳
IVh	dt10a	T4184	ST22	B	۴
IVh	dt10rm	T032	ST22	C	۵
IVh	dt10rm	T032	ST22	C	۶
V	dt14c	T189	ST188	D	۷
V	dt14c	T189	ST188	D	۸
III-A	dt11aa	T037	ST239	D	۹
V	dt14c	T189	ST188	D	۱۰
V	dt14c	T189	ST188	D	۱۱
V	dt14c	T189	ST188	E	۱۲
V	dt14c	T189	ST188	E	۱۳
V	dt14c	T189	ST188	E	۱۴
IIIA	dt13d	T421	ST239	F	۱۵
III	dt13l	T037	ST239	F	۱۶
IIIA	dt13d	T037	ST239	F	۱۷
III	dt13d	T4150	ST239	F	۱۸
III-A	dt13e	T037	ST239	F	۱۹
IIIA	dt13d	T037	ST239	F	۲۰
IIIA	dt13e	T037	ST239	F	۲۱
IIIA	dt13d	T037	ST239	F	۲۲
IIIA	dt1a	T037	ST239	F	۲۳
IIIA	dt13j	Non typeable	ST239	F	۲۴
IIIA	dt13d	T421	ST239	G	۲۵
IIIA	dt13b	T421	ST239	G	۲۶
IIIA	dt13d	T037	ST239	G	۲۷
IIIA	dt9w	T037	ST239	G	۲۸
V	dt9v	T127	ST1	G	۲۹
V	dt9v	T127	ST1	G	۳۰
III-A	dt13g	T037	ST239	G	۳۱
III-A	dt11aa	T037	ST239	G	۳۲
V	dt11a	T091	ST7	G	۳۳
III-A	dt13g	T037	ST239	G	۳۴
V	dt9v	T127	ST1	G	۳۵
V	dt9v	T127	ST1	G	۳۶
III-A	dt13d	T037	ST239	H	۳۷
III-A	dt13d	T037	ST239	H	۳۸
III	dt12g	T4213	ST239	I	۳۹
V	dt9v	T127	ST1	I	۴۰
III	dt13d	T037	ST239	I	۴۱
III-A	dt15e	T037	ST1283	I	۴۲
III-A	dt13d	T037	ST239	I	۴۳
III-A	dt13e	T037	ST239	J	۴۴
III	dt14d	T037	ST239	K	۴۵
III	dt14b	T037	ST239	K	۴۶
III	dt12h	T037	ST239	K	۴۷
III-A	dt13d	T037	ST239	L	۴۸
III-A	dt13g	T138	ST239	L	۴۹
III-A	dt13g	T138	ST1283	L	۵۰
III	dt14c	T037	ST239	L	۵۱

SCCmec	Dru	SPA	MLST	PFGE	NO
V	dt9v	T127	ST1	L	۵۲
V	dt14c	T189	ST188	L	۵۳
V	dt14c	T189	ST188	L	۵۴
III	dt13d	T037	ST239	L	۵۵
V	dt9v	T127	ST1	L	۵۶
V	dt9v	T127	ST1	L	۵۷
V	dt9v	T127	ST1	L	۵۸
V	dt11a	T091	ST7	M	۵۹
V	dt11a	T091	ST7	N	۶۰
V	dt13d	T091	ST7	O	۶۱

MRSA می‌تواند بیانگر این امر باشد که زیرگونه‌های MRSA کلون‌های پایدار نیستند و نوترکیبی یک رویداد بسیار رایج در میان آن‌هاست (۱۶ و ۲۲).

اگر چه PFGE به‌عنوان استاندارد طلایی برای طبقه‌بندی اپیدمیولوژیکی پاتوژن‌های مشکل‌ساز بیمارستانی در نظر گرفته می‌شود، برای MRSA، استفاده از روش‌های اضافی مانند طبقه‌بندی SCCmec و روش‌های مبتنی بر توالی سنجی مانند طبقه‌بندی MLST و Spa نیز افزایش پیدا کرده است. به هر حال، برای سوش‌هایی در کلون‌های خاص مانند EMRAS-۱۵ و EMRSA-۱۶ در بریتانیا، طبقه‌بندی dru روشی را بیان می‌کند که می‌تواند تمایز واقعی را برای این چنین ایزوله‌هایی فراهم کند. به‌تازگی اسمیت (Smyth) و همکاران سودمندی طبقه‌بندی dru در ترکیب با آنالیز توالی ژن ccr SCCmec را جهت فراهم کردن اطلاعات مربوط به ساختار جمعیت کلی MRSA ST۲۳۹ را اثبات کردند (۲۳). به هر حال، مطالعه اسمیت ایزوله‌ها را از نقطه نظر اپیدمیولوژیکی ارزیابی نکرد و فقط ۲ تایپ از ۷ تایپ dru (dt11a، dt1a) در ۱۳ ایزوله‌ی آسیایی مورد بررسی قرار گرفته یافت شدند که البته در تحقیق حاضر در ۱۹ تایپ dru دیده شدند. علیرغم بالا بودن قدرت تمایز این روش باید بر این نکته نیز اذعان داشت که این روش برخلاف روش‌های دیگر مانند MLST و Spa قادر به

dt1۳d به‌عنوان تیپ غالب همان‌طور که انتظار می‌رفت به‌خوبی در سرتاسر بیمارستان پراکنده شده است، اما جالب توجه است که اکثر ایزوله‌های تنفسی از این گونه بودند. به هر حال وابستگی ویژه‌ی dt1۳d با عفونت‌های تنفسی نیازمند اعتبارسنجی است که با استفاده از تعداد بیشتر نمونه به‌دست می‌آید.

جهت ارزیابی مشابهت کلی روش‌های طبقه‌بندی، ارزش ضریب AR برای همه‌ی روش‌های طبقه‌بندی تجزیه و تحلیل شد. برای همه‌ی مجموعه‌ی جداسازی شده، بالاترین ارزش AR برای طبقه‌بندی Spa و MLST یافت شد (۰/۶۵) و بنابراین تیپ‌بندی بر مبنای MLST یا تیپ‌بندی بر مبنای Spa مقیاس یکسانی از زمینه ژنتیکی را فراهم می‌کند. همه‌ی روش‌های دیگر و ترکیب این روش‌ها به استثنای پیوند بین ST و SCCmec ارزش AR کمتر از ۰/۵ را نشان دادند.

عدم وجود توافق کلی بین روش‌های دسته‌بندی (کمتر از ۸۰ درصد) در سوش‌های MRSA موجود در این مطالعه که عمدتاً به مجموعه‌های بیمارستانی محدود می‌شوند نشان‌دهنده این امر است که فشار آنتی‌بیوتیکی انتخابی سبب بروز سویه‌های مقاوم و تبادل مواد ژنتیکی بین آن‌ها گردیده است و از آنجا که روش‌های گوناگون حوزه‌های مختلف ژنوم را بررسی می‌کنند، سطوح پایین‌تر توافق برای سوش‌های

طبقه‌بندی استافیلوکوک اورئوس‌های حساس به متی‌سیلین نیست.

از نتایج ارائه شده در این تحقیق می‌توان این گونه نتیجه‌گیری نمود که اگر چه روش‌های مبتنی بر باندهای الکتروفورزی مانند الکتروفورز در ژل با میدان الکتریکی ضربان‌دار یا حتی بررسی تنوع کاست کروموزومی *mec* نتایج ارزشمندی در مطالعات ژنتیک به جای می‌گذارند ولی روش‌های جدیدتر که بر پایه سکانس نوکلئوتیدی استوار می‌باشند دارای قدرت تمیز بالاتر بوده و به‌ویژه این تحقیق بر سودمندی

طبقه‌بندی *dru* جهت تمایز اپیدمیولوژیکی سوش‌های MRSA مانند ST۲۳۹ تأکید می‌کند و کاربردی بودن این روش را به‌عنوان یک ابزار جهت بررسی اپیدمیولوژیکی MRSA تصریح می‌کند.

سپاس و قدردانی

بدین‌وسیله از کلیه همکاران در بخش میکروبی‌شناسی دانشکده پزشکی دانشگاه پوترا مالزی که ما را در انجام این تحقیق یاری کردند قدردانی می‌گردد.

References:

1. Robinson DA, Enright MC. Evolutionary models of the emergence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Antimicrob Agents Chemother* 2003; 47: 3926-34.
2. Goetghebuer M, Landry PA, Han D, et al. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: a public health issue with economic consequences. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2007; 18: 27-34.
3. Feil EJ, Cooper JE, Grundmann H, et al. How clonal is *Staphylococcus aureus*? *J Bacteriol* 2003; 185: 3307-16.
4. Van Belkum A, Tassios PT, Dijkshoorn L, et al. Guidelines for the validation and application of typing methods for use in bacterial epidemiology. *Clin Microbiol Infect* 2007; 13: 1-46.
5. Oliveira DC, Tomasz A, de Lencastre H. Secrets of success of a human pathogen: molecular evolution of pandemic clones of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Lancet Infect Dis* 2002; 2: 180-9.
6. Ghaznavi-Rad E, Ghasemzadeh-Moghaddam H, Shamsudin MN, et al. Environmental Contamination in the Hospital as a Possible Source for Nosocomial Infection with Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2010; 31: 1302-3.
7. Van Belkum A, Van Leeuwen W, Kaufmann ME, et al. Assessment of resolution and intercenter reproducibility of results of genotyping *Staphylococcus aureus* by pulsed-field gel electrophoresis of *Sma*I macrorestriction fragments: a multicenter study. *J Clin Microbiol* 1998; 36: 1653-9.
8. Tenover FC, Arbeit RD, Goering RV, et al. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel electrophoresis: criteria for bacterial strain typing. *J Clin Microbiol* 1995; 33: 2233-9.
9. Oliveira DC, Lencastre H. Multiplex PCR strategy for rapid identification of structural types and variants of the *mec* element in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Antimicrob Agents Chemother* 2002; 46: 2155-61.
10. Deurenberg RH, Vink C, Kalenic S, et al. The molecular evolution of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Clin Microbiol Infect* 2007; 13: 222-35.
11. Shopsis B, Gomez M, Montgomery SO, et al. Evaluation of protein A gene polymorphic region DNA sequencing for typing of *Staphylococcus aureus* strains. *J Clin Microbiol* 1999; 37: 3556-63.
12. Enright MC, Day NP, Davies CE, et al. Multilocus sequence typing for characterization of methicillin-resistant and methicillin-susceptible clones of *Staphylococcus aureus*. *J Clin Microbiol* 2000; 38: 1008-15.
13. Nahvi MD, Fitzgibbon JE, John JF, et al. Sequence analysis of *dru* regions from methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and coagulase-negative *Staphylococcal* isolates. *Microb. Microb Drug Resist* 2001; 7: 1-12.
14. Goering RV, Morrison D, Al-Doori Z, et al. Usefulness of *mec*-associated direct repeat unit (*dru*) typing in the epidemiological

- analysis of highly clonal methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Scotland. *Clin Microbiol Infect* 2008; 14: 964-9.
15. Aires-de-Sousa M, Boye K, de Lencastre H, et al. High interlaboratory reproducibility of DNA sequence-based typing of bacteria in a multicenter study. *J Clin Microbiol* 2006; 44: 619-21.
16. Koreen L, Ramaswamy SV, Graviss EA, et al. spa typing method for discriminating among *Staphylococcus aureus* isolates: implications for use of a single marker to detect genetic micro-and macrovariation. *J Clin Microbiol* 2004; 42: 792-9.
17. Ghaznavi-Rad E, Nor Shamsudin M, Sekawi Z, et al. A simplified multiplex PCR assay for fast and easy discrimination of globally distributed SCCmec types in methicillin resistant *Staphylococcus aureus*. *J Med Microbiol* 2010; 59: 1135-9.
18. Ghaznavi-Rad E, Nor Shamsudin M, Sekawi Z, et al. Predominance and Emergence of Clones of Hospital-Acquired Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Malaysia. *J Clin Microbiol* 2010; 48: 867-72.
19. Robinson DA, Hollingshead SK, Musser JM, et al. The IS 1167 Insertion Sequence Is a Phylogenetically Informative Marker Among Isolates of Serotype 6B *Streptococcus pneumoniae*. *J Mol Evol* 1998; 47: 222-9.
20. Singh A, Goering RV, Simjee S, et al. Application of molecular techniques to the study of hospital infection. *Clin Microbiol Rev* 2006; 19: 512-30.
21. Cookson BD, Robinson DA, Monk AB, et al. Evaluation of molecular typing methods in characterizing a European collection of epidemic methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains: the HARMONY collection. *J Clin Microbiol* 2007; 45: 1830-7.
22. Kim JY. Understanding the evolution of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Clin Microbiol Newsletter* 2009; 31: 17-23.
23. Smyth DS, McDougal LK, Gran FW, et al. Population structure of a hybrid clonal group of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST239-MRSA-III. *PLoS ONE* 2010; 5: e8582.

Original Article

Comparison of molecular methods in epidemiological typing of Methicillin Resistant *Staphylococcus aureus*

*E. Ghaznavi-Rad^{*1}, A. Amouzandeh nobaveh¹*

¹*Department of Microbiology, School of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, IRAN*

(Received 30 May, 2012 Accepted 25 Jul, 2012)

Abstract

Background: The aim of present study was evaluation and comparison of widely used molecular techniques including pulsed-field gel electrophoresis (PFGE), multi locus sequence typing (MLST), *Staphylococcus aureus* protein A typing (spa), *Staphylococcal Cassette Chromosome* typing (SCCmec), and SCCmec typing with recently introduced method using direct repeat unit (dru) sequencing in the hyper-variable region of the SCCmec cassette for clustering and discrimination of MRSA isolates.

Material and Methods: Out of 389 already molecularly established methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolates 61 representative samples were subjected to PFGE and dru typing methods according to guideline.

Results: The results showed that isolates were typed by PFGE typing, MLST typing, spa typing, SCCmec was typing and dru typing to 7,6,6,12,19 different types respectively. Evaluation of the discriminatory power for each method identified dru typing and PFGE as the most discriminatory methods.

Conclusion: Although the discriminatory ability of dru typing, especially with closely related MRSA ST239 strains underscore its utility as a feasible and cheap method in epidemiological investigation of MRSA, we suggest the use of the conjugation of dru typing and PFGE typing for epidemiological surveillance studies, since this combination provides more discriminatory and typeability which is useful for the control of nosocomial infection.

Key words: Methicillin resistance *Staphylococcus aureus*, PFGE, dru, molecular typing comparison

**Address for correspondence:* Department of Microbiology, School of Medicine, Arak University of Medical Sciences, Arak, IRAN; E-mail: e.ghaznavirad@arakmu.ac.ir , ghaznaviehs@yahoo.com